

Karakterisasi genomik, virulensi, dan resistensi antibiotik dari Methicillin-Resistant Staphylococcus aureus (MRSA) di Rumah Sakit Rujukan menggunakan teknik Whole-Genome Sequencing = Phenotype and genomic characterization of virulence and antibiotic resistance of Methicillin-Resistant Staphylococcus aureus (MRSA) in Referral Hospital using Whole-Genome Sequencing technique

Yayah Winarti, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=9999920550442&lokasi=lokal>

Abstrak

MRSA merupakan penyebab infeksi nosokomial yang menjadi masalah kesehatan utama di banyak rumah sakit di dunia, termasuk Indonesia. Patogen ini memiliki banyak faktor virulensi serta dapat mengembangkan resistensi terhadap berbagai kelas antibiotik, sehingga membuat infeksi MRSA menjadi lebih sulit untuk diobati. Informasi terkait data genomik dari strain MRSA di Indonesia saat ini masih sangat terbatas. Oleh karena itu, penelitian ini bertujuan untuk memberikan informasi mengenai karakteristik genomik beserta profil virulensi dan resistensi antibiotik dari 17 isolat tersimpan MRSA yang diisolasi dari pasien di rumah sakit rujukan. Dilakukan whole genome sequencing menggunakan platform Illumina NovaSeq 6000, kemudian dilanjutkan dengan analisis bioinformatika menggunakan pipeline ASA3P dan Bacannot. Hasil analisis menunjukkan bahwa ST239-SCCmec III-t37 (CC8) adalah yang paling dominan ditemukan diantara semua isolat (41%). Selain itu, ditemukan ST baru (ST 4abd) yang memiliki kemiripan yang tinggi dengan ST6. ST lain yang ditemukan adalah ST772, ST97, ST8, dan ST118, yang termasuk dalam CC1, CC5, CC8, CC97. Semua isolat MRSA memiliki faktor virulensi yang tinggi, terutama ditemukan isolat MDR sebanyak 83,2% dengan resistensi paling tinggi ditunjukkan oleh ST 8, ST 6, dan ST 4abd

. Selain itu,

ST239. Hasil penelitian ini menunjukkan adanya strain HA-MRSA dan CA-MRSA pada isolat tersimpan dari rumah sakit rujukan dengan profil virulensi dan resistensi yang tinggi.

.....Methicillin-resistant Staphylococcus aureus (MRSA) is a major cause of nosocomial infections in many healthcare settings worldwide, including Indonesia. This pathogen exhibits multiple virulence factors and can develop resistance to multiple classes of antibiotics, causing MRSA infections become difficult to treat. However, the genomic data of MRSA in Indonesia is still limited. Therefore, this study aims to provide information regarding genomic characteristics, virulence and antibiotic resistance profiles of 17 archived MRSA isolates from patients in referral hospital. Whole genome sequencing was conducted using the Illumina NovaSeq 6000 platform, followed by bioinformatic analysis employing the ASA3P and Bacannot pipelines. Analysis revealed that the ST239-SCCmec III-t37 (CC8) lineage predominated among all isolates (41%). Additionally, a novel ST (ST 4abd) closely related to ST6 was identified. Other STs found included ST772, ST97, ST8, and ST118, belonging to CC1, CC5, CC8, and CC97, respectively. All MRSA isolates possess numerous virulence factors, notably prominent in ST

8, ST 6, and ST 4abd. Furthermore, 83.2% of isolates exhibited multidrug resistance (MDR), with highest resistance observed in the ST239 lineage. This research emphasized the presence of HA-MRSA and CA-MRSA in referral hospital with high virulence and antibiotic resistance trait.